**\*\*\*输出结果目录结构：**按照输出结果的类型（图片）进行分类，即同一目录存储不同样本及样本分组（如果有分组）相同分析的结果；

**\*\*\*关于按样本分组信息可视化结果说明：**按样本分组统计克隆型频数结果不建议使用，文章中克隆型频数通常是按样本进行统计（每个样本是一个独立的个体）； 按样本分组统计克隆型频数结果本分析也有输出，但不建议使用，如果使用需要结合项目背景自行合理描述；

**\*\*\*克隆型频数分组标准**：默认情况下，Single 代表单一克隆型；Medium 代表克隆型频数大于1，小于等于10；Large代表克隆型出现频数大于10；

**01.sc.CloneBar：**按照克隆型频数分组展示占比；

**02.sc.Diversity：**克隆型多态性分析，使用Hill/ inverse Simpson/ Chao1/ d50 4种方法计算样本克隆多样性，值越大表示样本的克隆多样性越高。

**03.sc.Clustertree：**通过克隆型使用情况的cosine similarity对样本进行层次聚类；

**04.sc.HaveOrNot：**按照克隆型频数分组统计样本中每个cluster不同克隆型占比；

**05.sc.Otherinfo：**按样本及样本分组输出克隆型的统计信息，若样本数或组数小于7，会同时输出克隆型Venn图，以及共有克隆型的信息。

**06.sc.CloneTypePie：**展示不同克隆型频数分组克隆型频数与占比情况，圆圈大小代表总克隆型数目；

**07.sc.UmapCloneType：**基于组内克隆型频率和样本内克隆型频率，top（默认top5）克隆型在umap图上的分布及umap上展示细胞是否还有免疫受体，同时输出top克隆型信息；

**08.sc.UpsetR：**展示每个细胞类型克隆型数据及不同细胞类型间克隆型的交集。

**09.sc.VJproportionUsage：**各细胞中α链/重链VJ基因及β链/轻链使用频数热图，横坐标V基因和J基因，纵坐标是细胞类型；

**10.sc.TopNgenexpTop：**横坐标是基因，纵坐标是基因的使用频数(占比)，不同颜色表示不同样本/组，展示不同链（T细胞：α链及β链；B细胞：重链及轻链）上不同基因（V、D、J基因，D基因很少出现）的使用情况（默认展示top20）；

**11.sc.VJpairs：**双链中V-J基因的使用频数。横坐标是双链的V基因，纵坐标是双链的J基因。颜色的深浅表示频数的大小；

注：默认克隆型定义方式为基于V(D)J基因型进行，另外可选择基于V(D)J基因型+CDR3氨基酸序列/核苷酸序列进行定义。